

RINGKASAN

Ikan gurami (*Osphronemus goramy*) merupakan salah satu jenis komoditas ikan air tawar yang bernilai ekonomis tinggi. Ikan tersebut telah banyak dikembangkan diberbagai daerah termasuk di Provinsi Sumatera Barat. Ikan gurami yang dikembangkan di UPTD BBI Provinsi Sumatera Barat adalah ikan gurami tambago dan merah. Gurami merah merupakan jenis ikan unggulan lokal Provinsi Sumatera Barat yang khas dan tidak terdapat di Provinsi lain. Karakter yang khas gurami tersebut adalah warna sisiknya merah bersih tanpa adanya bintik-bintik atau campuran dengan warna hitam. Gurami tambago memiliki pola yang khas pada sisik ventral dekat anal dengan warna kecoklatan seperti tembaga.

Ikan gurami merah dan gurami tambago yang dibudidayakan di BBI Sumatera Barat diduga memiliki variasi genetik. Namun, hal ini perlu dilakukan adanya uji lanjut. Oleh karena itu karakterisasi molekuler kedua gurami tersebut perlu dilakukan menggunakan penanda genetik yang mempunyai sensitifitas tinggi. Salah satu karakter molekuler yang dapat digunakan sebagai penanda genetik adalah gen CO1. Gen tersebut merupakan salah satu dari gen dalam genom mitokondria (mtDNA) yang biasa digunakan sebagai barcode. Segmen gen CO1 dengan ukuran sekitar 600-750 bp, telah digunakan untuk identifikasi di beberapa taksa hewan seperti serangga, burung, dan ikan. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui beberapa karakter molekuler gurami merah dan gurami tambago.

Penelitian ini dilakukan menggunakan metode survei dengan pengambilan sampel secara *random sampling*. Sampel ikan gurami merah dan gurami tambago yang digunakan merupakan koleksi Bapak Dr. Agus Nuryanto, S.Si., M.Si. Penelitian ini diawali dengan melakukan ekstraksi DNA sirip ikan, amplifikasi fragmen gen CO1 mtDNA ikan, elektroforesis gel agarosa, pengamatan hasil di bawah UV transluminator, dan pendokumentasian dilakukan di Laboratorium Taksonomi Hewan Fakultas Biologi Unsoed. Tahap selanjutnya yaitu sekuen DNA, Hasil sekuensing diedit menggunakan *software* Bio-Edit. Persentase konten tiap nukleotida dan jarak genetik dihitung menggunakan *software* Arlequin. Hubungan kekerabatan gurami merah dan gurami tambago diduga berdasarkan pohon filogenetik yang direkonstruksi menggunakan algoritma NJ (*Neighbor Joining*) dengan bantuan *software* MEGA dengan gurami sabah dan sepat sebagai *outgroup* (pembanding).

Hasil penelitian menunjukkan bahwa kandungan nukleotida gurami merah berkisar 17,09%-32,27% dan gurami tambago 17,11%-32,27%. Keragaman haplotipe gurami merah sebesar 0,933 +/- 0,1217 dan gurami tambago 0,7500 +/- 0,1121. Sementara itu keanekaragaman nukleotida gurami merah sebesar 0,003901 +/- 0,002818 dan gurami tambago sebesar 0,003165 +/- 0,002225, dikuatkan dengan jarak genetika antara kedua strain 0,00459, hal ini kurang dari 1% sehingga kedua strain tersebut masih dalam satu spesies yaitu *Osphronemus gaurami*. Ikan gurami merah dan gurami tambago membentuk kelompok monofiletik ketika dibandingkan dengan *Trichogaster* 1 (accession number KY290117.1, *Trichogaster* 2 (accession number KY290047.1), and *Trichogaster* 3 (accession number KU569056.1).

Kata kunci: Ikan gurami merah dan gurami tambago, gen CO1, keanekaragaman genetik.

SUMMARY

Giant gourami (*Osphronemus goramy*) is a freshwater fisheries commodity with high economic value. This fish has been cultivated in several regions, including in West Sumatera Province. Giant gourami strains that have been cultivated in Fish Seeds Center (BBI) of West Sumatera Province are tambago and red strains. Red strain has orange or red colouration in whole body scales without any dots or any other color combinations. Tambago strains has a copper coloration in their scales around anal scales.

The both red and tambago giant gourami strains is assumed to have genetic differences. This assumption needs to be tested using high sensitive genetic marker such as using cytochrome c oxidase 1 (CO1). This gene is a common marker in animal barcode. A fragment of approximately of 600-700 bp has been used for species identification in wide range of animal phyla, such as insects, birds, and fishes. This research aims to know the molecular characteristics of tambago and red giant gourami strains.

This research was done using survey method with random sampling technique. Red gourami samples were taken from Animal Taxonomy Laboratory which was collected by Dr. Agus Nuryanto, S.Si, M.Si. The research steps include DNA extraction, DNA amplification, agarose gel electrophoresis, DNA visualization under the UV transilluminator, and documentation. These steps were done in Animal Taxonomy Laboratory of Biology Faculty of Unsoed. The further step is DNA sequence, the DNA sequences were edited using the Bio-edit software. Nucleotide composition and genetic distance were calculated in Arlequin software. Genetic relationship between red and tambago gourami strains was estimated based on phylogenetic tree that was reconstructed using NJ algorithm (Neighbor Joining) with the aid of MEGA software with *Trichogaster* 1 (accession number KY290117.1), *Trichogaster* 2 (accession number KY290047.1), and *Trichogaster* 3 (accession number KU569056.1) as outgroups taxa.

The research result shows that nucleotide composition of red gourami ranges from 17,09 to 32,27% and for tambago ranges from 17,11 to 32,27%. The haplotype diversity of red gourami was 0,933 \pm 0,1217 and 0,7500 \pm 0,1121 for tambago strain. Meanwhile, genetic distances between red and tambago strains was 0.0049. This low level of genetic distance indicates that both strains are belong to one species, that is *Osphronemus goramy*. The phylogenetic tree showed that all individuals of both strains formed monophyletic group compared to outgroups taxa.

Key words: red gourami, tambago gourami, gene CO1, genetic diversity.